# 基于动态增强 MR 图像的垂体微腺瘤智能检测方法

高旌源[1]，王坤峰*
[1]（北京化工大学信息科学与技术学院 北京 100029）

**摘要：**垂体微腺瘤通常难以通过平扫核磁共振成像的方式来检测，且误诊的风险较高、病例较少，这使得垂体微腺瘤的检测分割与分类诊断工作难度较大。基于上述问题，本文提出了一种基于动态增强序列的计算机辅助诊断系统 DCEPM-CAD。在提取动态增强 MR 序列时序信息的同时对其中主干网络 HRNetv2 添加注意力模块进行改进。为了避免因垂体微腺瘤在图像中占据像素过少而无法提取其相关特征的问题，本文还引入 TecoGAN 图像超分辨率方法来对垂体区域图像进行超分辨率重建。在 275 名符合研究条件者的共 862 张 MR 图像数据集中，DCEPM-CAD 针对垂体微腺瘤的诊断准确率达到 77%，同时在垂体、垂体微腺瘤的分割方面取得了显著的效果，Dice 相似性系数分别达到 92.16 和 72.54。

**关键词：**垂体微腺瘤；深度学习；动态增强核磁共振图像

# An Intelligent Detection Method for Pituitary Microadenoma Based on Dynamic Enhanced Magnetic Resonance Images

Gao Jingyuan[1]　Wang Kunfeng*
[1]（College of Information Science and Technology, Beijing University of Chemical Technology, Beijing 100029, China）

**Abstract:** Pituitary microadenomas are usually difficult to detect by non-contrast MRI, and the risk of misdiagnosis is higher and the number of cases is small, which makes the detection, segmentation and classification of pituitary microadenomas difficult. Based on the above problems, a computer-aided diagnostic system DCEPM-CAD based on dynamic enhancement sequence is proposed. While extracting the dynamic enhancement MR sequence timing information, the attention module of HRNetv2 was added to the backbone network to improve. In order to avoid the problem that pituitary microadenomas occupy too few pixels in the image to extract their relevant features, this paper also introduces the TecoGAN image super-resolution method to super-resolution the pituitary region image. In a total of 862 MR image datasets of 275 eligible participants, the diagnostic accuracy of DCEPM-CAD for pituitary microadenomas reached 77%. At the same time, significant results were achieved in the segmentation of pituitary and pituitary microadenomas, and the similarity coefficients of Dice reached 92.16 and 72.54, respectively.

**Keywords:** Pituitary microadenoma; Deep learning; Dynamic enhanced magnetic resonance images

---

* 通讯作者（Corresponding author）:王坤峰，男，教授，博士生导师，主要研究方向：计算机视觉、机器学习、智能感知与智能医学。E-mail：wangkf@mail.buct.edu.cn

## 1. 引言

垂颅内中枢神经系统最常见的良性肿瘤就是垂体腺瘤，约占所有颅内肿瘤的9%～16%[1]，在颅内肿瘤疾病中发病率居第3位[2]，患病率约为0.08%～0.09%[3]。且近年来随着医疗器械水平与临床医学的发展，垂体腺瘤的发病率呈上升趋势，同时无症状的病例明显增多。

垂体微腺瘤是垂体腺瘤中一种较特殊的情况，因其尺寸过小不易发现，使得医生在临床上难以做到及时、准确判断。除此之外，不同种类的垂体微腺瘤具有不同的内分泌特点和临床症状[4]。例如：生长激素型垂体微腺瘤会导致头痛、视力衰退、关节炎等；促肾上腺皮质激素型垂体微腺瘤多数表现为体重增加、肌肉无力等[5]。

核磁共振成像是临床上诊断垂体微腺瘤最常用的影像学技术手段[6]，核磁共振图像具有多种技术特点和优势，如多参数、多序列、多方位成像、软组织分辨率高、可利用流动效应进行血管成像等[7]。而动态增强扫描[8]是垂体微腺瘤诊断过程中一个非常重要的技术手段，即便在影像科医师的诊断过程中，动态增强MR图像序列也是判断的“金标准”。

随着深度学习在生物医学领域的发展，医学图像处理成为计算机视觉中十分重要的研究方向。众多科研工作者与临床医生亦希望通过深度学习或机器学习的相关算法临床医学领域实现计算机辅助诊断（CAD）[9]，从而有效提高医学影像学分析和临床诊断工作的准确性与时效性。

基于上述条件，本研究旨在将深度学习的相关算法模型与垂体微腺瘤的诊断相结合，重点基于垂体微腺瘤在临床诊断过程中的金标准：动态增强序列，通过提取动态增强序列中的时序信息与空间信息特征，结合深度学习的相关模型并最终实现垂体微腺瘤的精准分割与定性，辅助临床诊断，同时探索深度学习在医学领域中的可解释性。

## 2. 相关工作

近年来，国际医学图像计算和计算机辅助介入协会（MICCAI）在医学图像处理领域，举办了每年一度的多模态脑肿瘤分割竞赛（Bra TS）[10]。该竞赛使用基于TCIA（The Cancer Imaging Archive）的脑神经胶质瘤MR图像数据库。除此之外，越来越多的医学数据集在网络上开源，以满足高校、医疗工作者及科研人员使用，其中包括了X射线、计算机断层扫描（CT）图像、磁共振图像（MRI）

等在内的许多医学图像数据集[11]。 不断增加的医学数据集也推动了深度学习在医学图像处理领域的磅礴发展，同时在病灶的检测、疾病的诊断、预后的预测等方面取得了一系列成果。

医学图像处理领域的快速发展促进了深度学习在垂体腺瘤 MR 图像上的应用，在 MR 图像预处理方面，Lee 等[12]使用 AIRTM 深度学习软件对 3mm 层厚的 MR 图像进行薄层重建，并将获得的层厚为 1mm 的重建图像用来验证影像科医师诊断垂体腺瘤的准确率，同时发现 1mm 层厚的重建图像可以有效降低诊断过程中的假阳性率。Uetani 等[13]在垂体 T2 加权图像的 5 个去噪水平上，分别采用不同的小波去噪方法重建图像，发现通过压缩感知的混合 DLR 方法可以为垂体 T2WI 提供更高的图像质量。

在分割垂体腺瘤的任务方面，Shu 等[14]利用 nnU-Net 深度学习模型实现了垂体腺瘤的三维语义分割，其中训练出的两个网络均在垂体大腺瘤（直径≥10mm）的分割方面具有良好的性能，但是在垂体微腺瘤（直径＜10mm）的分割方面效果并不理想；Li 等[15]基于多模态的 3D MRI 图像，通过 3D 卷积神经网络（CNN）实现了对功能性垂体腺瘤的分割与分类。

而在分割垂体微腺瘤的任务方面，Li 等[16]提出了基于深度学习的计算机辅助诊断垂体微腺瘤系统（PM-CAD），主要分为检测和分类两大步骤，即首先对垂体的 bounding box 进行检测，再将预测的垂体区域 bounding box 输入分类网络。在 PM-CAD 的内部数据集中，该系统的诊断准确率达到 94%，其诊断能力十分接近工作超过 10 年的影像科医生。

在多模态方面，多模态学习框架的一个理想特性是能够从不同的模态中学习，而不需要不同的模型架构[17]。理想情况下，一个统一的多模态模型将包含不同类型的数据（图像、生理传感器数据以及结构化和非结构化文本数据等等），以灵活和稀疏的方式编码这些不同类型数据中包含的概念（i.e.一个独特的任务只激活网络的一小部分，通过模型学习网络的哪些部分应该处理每个独特的任务）。Fan 等[18]通过提取 MR 图像特征构建影像学组标签，同临床文本指标数据特征相融合，实现了术前预测侵袭性功能型垂体腺瘤患者的预后情况，并在内部数据集上得到了良好的结果。

# 3. 方法

在临床诊断过程中，对垂体微腺瘤核磁共振图像的分割精度和诊断效率提出了更高的要求，因此迫切需要一种自动化的方法来提高分割精度，作为辅助诊断的技术工具。为了寻求高效准确的垂体微腺瘤病灶分割方法，我们提出了一种基于动态增强序列的计算机辅助诊断系统 DCEPM-CAD，如图 5 所示。并在本节分别对其中的数据预处理、HRNetv2 分割模型、注意力机制改进进行了详细阐述。

### 3.1 基于动态增强序列的数据预处理

由于垂体及垂体微腺瘤所处位置复杂，且体积过小不便于分割，因此本研究采取多种图像预处理方法，将同层不同时间点的 MR 图像进行图像融合，目的是增强图像所关注区域与一般区域的对比度，最大限度的保留在动态增强序列中的强度变化信息。如图 1，将第三层$L_3$ (浅橙色)的不同时间序列下的图像抽取出来，经过基于均值的图像预处理方法$f_{mean}(L_i)$，得到融合后的图像$L'_3$，其他各层同理。最终得到图 1 右下角的数据预处理序列。

选择同层不同时间的目的是由于同一层的 MR 图像在颅内组织结构相同，图像融合后不会造成偏差。数据维度方面，由于 MR 图像格式为 DICOM[19]，是灰度图像，其数据维度为$x \in \mathbb{R}^{c \times w \times h}(c = 1)$，其中$c$、$w$、$\hbar$分别为图像的通道数、宽度和高度。而经过图像预处理后的图像$L'_i$在数据维度方面与原始图像保持一致。

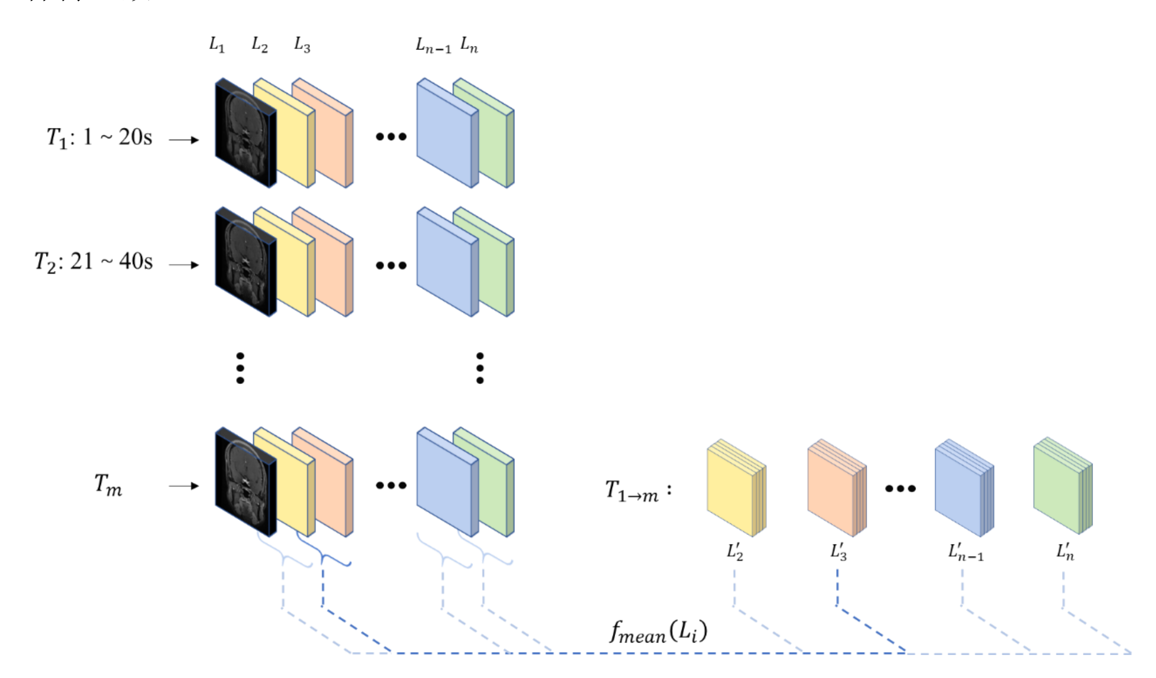



图 1 基于动态增强序列的数据预处理

关于数据预处理的图像融合方法，主要包括了：最大值滤波、最小值滤波、均值滤波与第一期图像做差、最大值滤波与最小值滤波做差、最大值滤波后双边滤波。预处理结果如图 2 所示，相关消融实验结果见表 5。

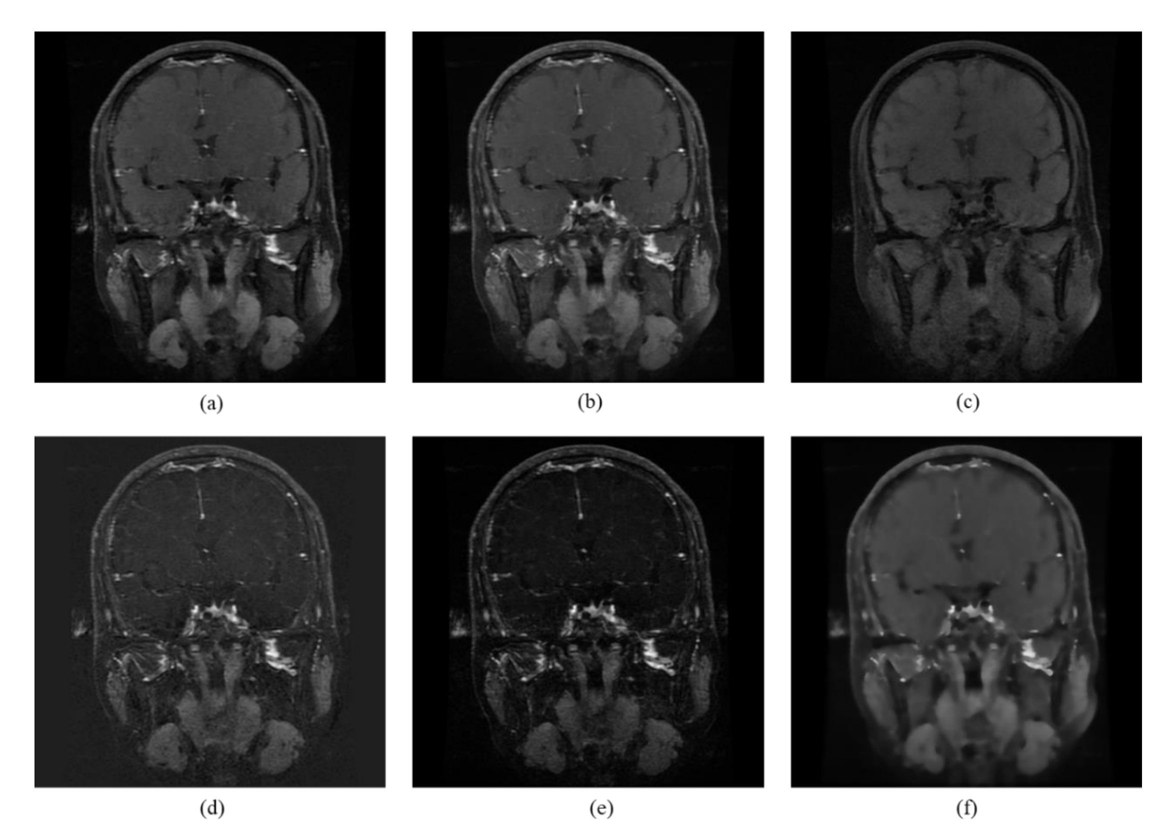



图 2：图像预处理环节的结果：(a) 冠状位切片在某个时间点下的原始图像；(b) 经过最大值滤波处理之后的图像；(c) 经过最小值滤波处理之后的图像；(d) 经过均值滤波处理，再减去第一期之后的图像；(e) 经过最大值滤波减去最小值滤波处理之后的图像；(f) 经过双边滤波处理之后的图像。经过预处理后的图像在所关注的垂体区域很好地保留了信号强度变化的信息，同时模糊了蝶鞍内其他结构的信息，提高了感兴趣区域与一般区域的对比度。

### 3.2 注意力机制优化的垂体、垂体微腺瘤分割模型

医生在诊断垂体微腺瘤的过程中，会首先找到垂体区域，观察垂体柄是否有偏移、鞍底是否下陷、垂体内是否有未经强化的信号结节等，而忽略与垂体区域无关的其他区域。换句话说，注意力会引导医生在诊断的过程中不断判别并最终寻找到具有区分性的关键区域，即选择重要的信息而忽略不重要的信息。而注意力机制[20]也在深度学习中得到了广泛运用，根据注意力域的不同，注意力机制主要分为三类：空间域、通道域、混合域。

因此，本文的改进方法将在 HRNetv2 的主干网络中添加两种不同的通道注意力机制，旨在帮助神经网络在训练的过程中获取到更有价值的特征。

HRNetv2 模型主干网络的 4 个 stage 中的多尺度并行卷积模块中的每个分支

都包含由 4 个残差块组成的残差组，基于此结构，本文选择在每个残差组的残差块中添加压缩-激励通道注意力模块[21]，作为对于 HRNetv2 的第一种改进方式，命名为 HRNetv2_SE，改进后的单个残差块的结构如图 3 所示。

除此之外，本文还选择在每个残差组的残差块中添加双池化注意力模块[22]，作为对于 HRNetv2 的第二种改进方式，命名为 HRNetv2_CAM。如图 4 所示。

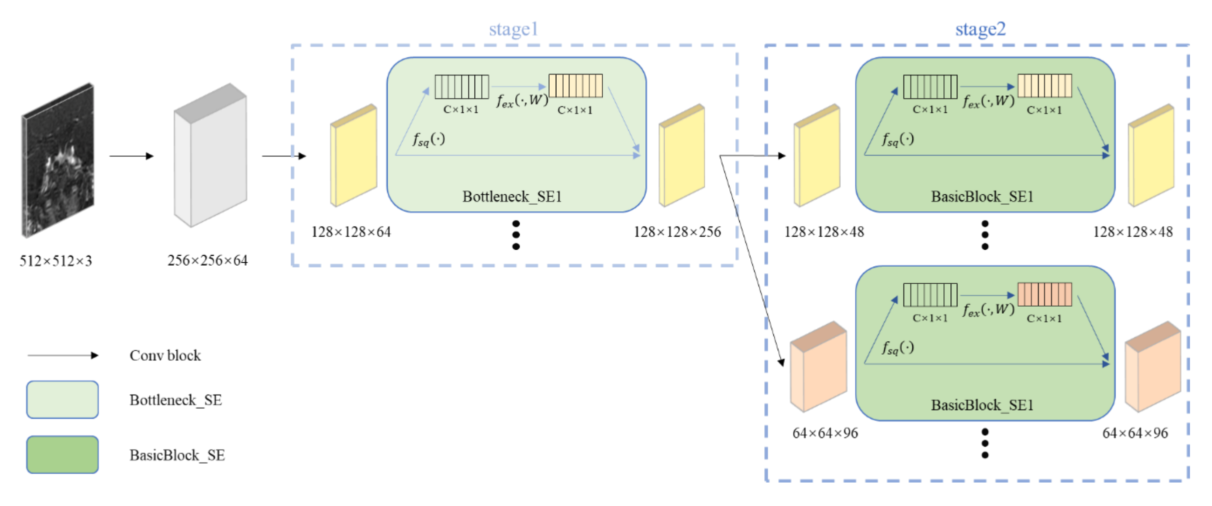



图 3 HRNetv2_SE 模型主干网络局部，以 stage1、stage2 为例

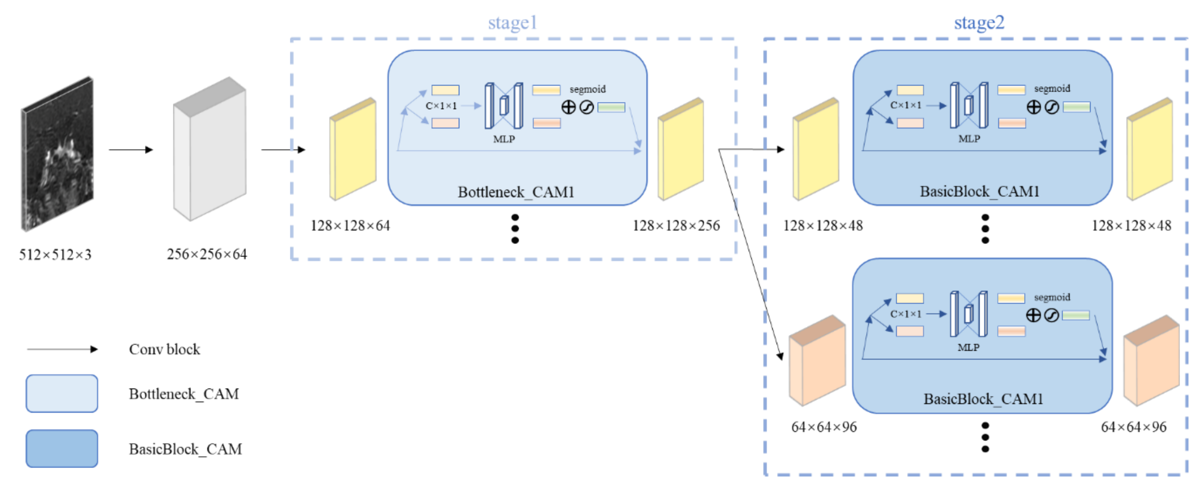



图 4 HRNetv2_CAM 模型主干网络局部，以 stage1、stage2 为例

### 3.3 DCEPM-CAD

综上所述，本文结合动态增强扫描序列时序信息、高分辨率表征学习模型 HRNetv2、注意力机制、超分辨率模块，提出了一种基于动态增强序列的计算机辅助诊断系统 DCEPM-CAD (computer-aided Dynamic Enhanced Pituitary Microadenoma diagnosis)，旨在辅助医生更高效、精确地诊断垂体微腺瘤。DCEPM-CAD 的流程图如图 5 所示。

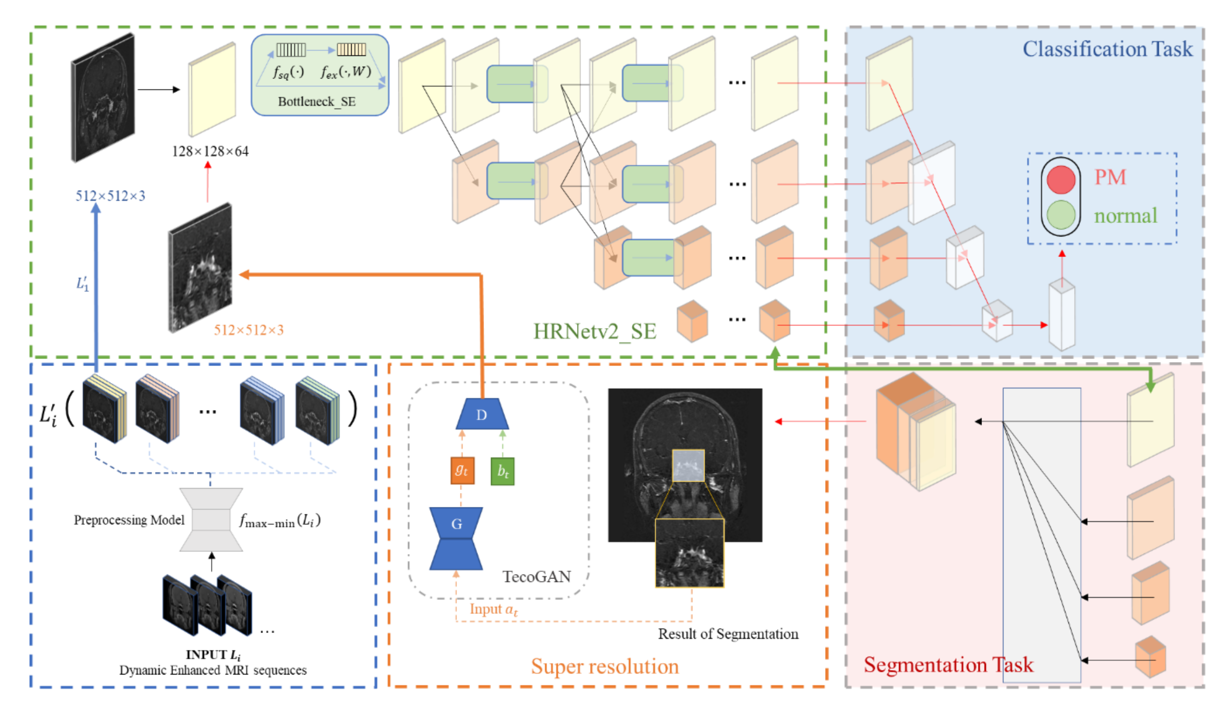



图 5 DCEPM-CAD 流程图

首先，图 5 左下角的模块将对动态增强扫描序列进行预处理，将同一层的 MR 图像抽取出来进行最大值滤波减最小值滤波的图像融合，之后再将预处理 MR 图像序列$L_i'$输入进添加压缩-激励注意力模块的 HRNetv2 模型中，经过 4 个 stage 后分别输出尺度为 4 倍、8 倍、16 倍、32 倍的下采样特征图，并将特征图直接用于 Segmentation Task 模块（黑色细箭头）进行垂体区域的语义分割。

之后，将分割裁剪后的垂体区域图像经过预训练好的 TecoGAN 模型来生成超分辨率的分割裁剪垂体区域图像，维度从(W/3)×(H/3)×3 变为 512×512×3，再次输入 HRNetv2_SE 模块中，经过 4 个 stage 后分别输出尺度为 4 倍、8 倍、16 倍、32 倍的下采样特征图，并将特征图直接用于 Segmentation Task 模块（黑色细箭头）与 Classification Task（红色细箭头）进行垂体微腺瘤的语义分割与分类，最终通过输入的一组动态增强 MR 序列，DCEPM-CAD 可以判断一个人是否患有垂体微腺瘤，以及垂体微腺瘤的位置信息，实现了端到端的计算机辅助诊断垂体微腺瘤。

## 4. 材料和实验

本研究为基于动态增强 MR 图像的垂体微腺瘤智能检测，根据课题特点与难点，本文提出了关于动态增强的垂体微腺瘤的诊断方法：DCEPM-CAD，旨在辅助医生临床诊断，因此针对本文方法的实验方案主要包括：(1)垂体的分割实验；(2)垂体微腺瘤的分割实验；(3)垂体微腺瘤的诊断实验；(4)多种预处理方法的消

融实验。

根据上述不同实验的需求，对数据集进行整理和预处理。使用 pytorch 框架，模型训练时加载并使用 backbone 对应的预训练模型参数，在搭载了 NVIDIA RTX 3060 的 Windows 操作系统上进行训练。

模型训练过程分为冻结阶段和解冻阶段。由于我们使用预训练权重来进行模型的训练，因此冻结 backbone 权重的训练转而将更多的计算资源用来训练神经网络后面的参数，可以加快模型的训练速度。除此之外，因为垂体微腺瘤数据集较小，冻结较浅的网络层可以防止这些层对数据的过拟合。

实验过程中设置冻结阶段 epoch 为 50，batch size 为 16，解冻阶段 batch size 为 8。总 epoch 为 200，模型使用 SGD 优化器，动量设置为 0.9，学习率设置为 0.004，学习率衰减采用余弦退火算法[23]，权重衰减设置为 0.0001 防止过拟合。

## 4.1 数据来源

本研究所使用的脑部 MR 图像均来源于与北京市中日友好医院的合作项目，所有临床数据均源于北京市中日友好医院放射诊断科 2016 年 1 月至 2022 年 4 月收集的垂体动态增强 MRI 检查数据。

本数据集主要包括两类图片：垂体微腺瘤患者 MR 影像、正常脑部 MR 影像。每个动态序列的 MR 影像中均包含来自影像科医师的关于垂体及垂体微腺瘤的划分标签，以供深度学习模型训练、测试。除此之外，数据集中还包含了所有患者及正常人的文本类诊断信息，有助于后期利用多模态模型对垂体微腺瘤进行分类。

上述数据集的检查仪器分别为 GE、Philips、SIEMENS MR 扫描仪。具体参数信息详见表 1。

表 1 垂体微腺瘤数据集扫描设备参数信息

| | GE MR750 | Philips Ingenia | SIEMENS Area |
|---|---|---|---|
| 场强 (Tesla) | 3.0 | 3.0 | 1.5 |
| TR/TE (ms/ms) | 400/10.2 | 505.5/12 | 370/9.4 |
| 采集矩阵 | 256×192 | 224×154 | 192×154 |
| 视场 (mm×mm) | 512×512 | 320×320 | 384×384 |
| 翻转角 (°) | 111 | 90 | 150 |
| 层厚 (mm) | 3.0 | 3.0 | 3.0 |
| 动态期相数 | 6-12 | 6-8 | 6-8 |
| 每期相切片数 (层数) | 5-9 | 5-8 | 5-8 |

## 4.2 数据纳入及排除标准

本研究经过影像科医师的一致诊断，纳入标准包括：(1) 经初步诊断后确诊为垂体微腺瘤，最大直径＜10mm，且符合动态增强序列表现；(2) 对于初步诊断为功能性垂体微腺瘤患者，提供其对应的内分泌激素指标文本数据；(3) 无鞍区手术史患者；(4) 完整的临床和病理特征。排除标准包括：(1) MRI 成像失误，图像分辨率低，有显著运动或磁敏伪影；(2) 垂体腺瘤术后复发或有鞍区手术史者。

### 4.3 DEC-MRI 数据集的构建

经过数据的纳入和排除标准，本数据集共有符合研究条件者 275 例，其中，160 例患有垂体微腺瘤，115 例表现正常。

#### 4.3.1 垂体数据集的构建

将上述 275 例符合研究条件者按照训练集、验证集、测试集 6:2:2 的比例进行划分，共有 862 张MR影像。如表 2 所示，同时列出了正常垂体与垂体微腺瘤的样本数量。

#### 4.3.2 垂体微腺瘤数据集的构建

将上述 160 例垂体微腺瘤患者按照训练集、测试集 8:2 的比例进行划分，共有 306 张 MR 影像。如表 3 所示。

表 2 垂体数据集结构

| 数据集 | 类别 | 图像数量/张 | 总数/张 |
|---|---|---|---|
| 训练集 | 正常垂体 | 368 | 551 |
| | 垂体微腺瘤 | 183 | |
| 验证集 | 正常垂体 | 63 | 138 |
| | 垂体微腺瘤 | 75 | |
| 测试集 | 正常垂体 | 125 | 173 |
| | 垂体微腺瘤 | 48 | |

表 3 垂体微腺瘤数据集结构

| 数据集 | 图像数量/张 |
|---|---|
| 训练集 | 258 |
| 测试集 | 48 |

## 5. 结果

### 5.1 垂体分割

本文方法在垂体微腺瘤分割诊断的目标下，首先对垂体区域进行分割，同时

用于选择 HRNetv2 模型在本实验数据集下的最佳 backbone。其中数据集共拥有 862 张图像，训练集 585 张图像用于训练 HRNetv2 模型在不同 backbone 下的分割效果；验证集的 147 张图像用于最佳 backbone 的选择。

在验证集上挑选出最佳的 backbone(HRNet_w32)后，使用此 backbone 对改进的 HRNetv2 模型：HRNet_SE、HRNet_CAM 进行训练，并用测试集评估改进的 HRNetv2 与相关基准实验在未见数据上的泛化能力。

本实验中我们选择了一种实例分割模型 Mask R-CNN[24]，五种语义分割模型：$U^2$-Net、DeepLabv3+[25]、PSPNet[26]、U-Net、HRNetv2 作为用于对比的基准实验。实验结果如表 4 所示。

表 4 垂体数据集上的分割结果

| | backbone | DSC | mIoU | PA | mPA |
|---|---|---|---|---|---|
| *Performance on the* ***Validation set*** | | | | | |
| Mask R-CNN | ResNet50 | 66.55 | 49.87 | 99.84 | 49.90 |
| $U^2$-Net | RSU | 84.34 | 72.92 | 99.89 | 79.63 |
| DeepLabv3+ | mobileNet | 66.60 | 49.93 | 99.85 | 50.00 |
| PSPNet | mobileNet | 66.64 | 49.97 | 99.85 | 50.04 |
| PSPNet | ResNet50 | 86.06 | 75.53 | 99.92 | 79.45 |
| U-Net | Vgg16 | 91.90 | 85.02 | 99.95 | 91.22 |
| U-Net | ResNet50 | 92.33 | 85.75 | 99.95 | 91.36 |
| HRNetv2 | HRNetv2_w18 | 91.16 | 83.76 | 99.94 | 89.00 |
| HRNetv2 | HRNetv2_w32 | **93.00** | **86.92** | **99.96** | **92.55** |
| HRNetv2 | HRNetv2_w48 | 80.85 | 67.86 | 99.66 | 70.42 |
| *Performance on the* ***Test set*** | | | | | |
| Mask R-CNN | ResNet50 | 65.75 | 48.98 | 99.85 | 49.73 |
| $U^2$-Net | RSU | 81.34 | 68.55 | 99.89 | 67.42 |
| DeepLabv3+ | mobileNet | 66.60 | 49.93 | 99.86 | 50.00 |
| PSPNet | mobileNet | 66.70 | 50.04 | 99.86 | 50.21 |
| PSPNet | ResNet50 | 82.96 | 70.88 | 99.91 | 74.12 |
| U-Net | Vgg16 | 91.63 | 84.56 | 99.95 | 89.19 |
| U-Net | ResNet50 | 91.56 | 84.44 | 99.95 | 90.48 |
| HRNetv2 | HRNetv2_w18 | 89.65 | 81.25 | 99.94 | 86.42 |
| HRNetv2 | HRNetv2_w32 | 91.48 | 84.30 | 99.95 | 88.57 |
| HRNetv2 | HRNetv2_w48 | 87.24 | 77.36 | 99.93 | 82.66 |
| HRNetv2_SE | HRNetv2_w32 | **92.16** | **85.46** | **99.96** | **90.23** |
| HRNetv2_CAM | HRNetv2_w32 | 89.28 | 80.64 | 99.94 | 86.68 |

由表 4 可知，在验证集的评估中 backbone 为 HRNetv2_w32 的 HRNetv2 模型分割性能最佳，Dice 相似性系数为 93.00，平均 IoU 为 86.92，但当 backbone 为 HRNetv2_w48 时，分割性能反而有大幅下降。HRNetv2_w32 和 HRNetv2_w48

最大的差别就是在主干网络中后三个 stage 的通道数量不同，而过深的通道导致模型对垂体位置信息不明确，最终影响分割效率。因此我们在接下来对 HRNetv2 的改进过程中使用的 backbone 均为 HRNetv2_w32。

在测试集的评估中可以发现，添加了注意力机制的两个改进方法相比于基准方法都有所提升，相比于分割性能最好的基准实验 U-Net，两种添加了注意力机制的改进方法均提升了 1～2 个百分点。分析认为，这是由于注意力机制将重要通道的特征强化，非重要通道的特征弱化，从而达到分割性能的提升。除此之外，HRNetv2_CAM 的分割性能要低于 HRNetv2_SE，猜测这是因为 HRNetv2_CAM 模型的参数量要大于 HRNetv2_SE，而过大参数量的模型并不适用于较小的数据集。

### 5.2 预处理消融实验

本节关于图像的预处理主要包含两个方面，一是基于动态增强序列，旨在将动态增强序列中的时序信息融合起来，保留时序信息中信号增强的部分，而信号增强的部分也是我们所感兴趣的垂体区域，本节将基于基准方法 HRNetv2 对图 2 中(a)、(d)、(e)、(f)进行消融实验，详细结果见表 5。

二是对垂体微腺瘤分割环节的超分辨率的消融实验，如图 5 super resolution 块，在本文提出的 DCEPM-CAD 方法流程中，先使用 HRNetv2 对垂体进行分割，再将分割下来的垂体区域进行超分辨率用于后续垂体微腺瘤的语义分割。这一步对于垂体微腺瘤的分割与定性起着至关重要的作用，因此有必要对超分辨率环节进行验证，以确保超分辨率的有效性。本节将对：(1)原始图像数据；(2) 原始图像分割裁剪数据；(3) 原始图像分割裁剪超分辨率数据三个方面进行消融实验。

由表 5 可知，最有效的图像预处理方法是最大值滤波减最小值滤波，如图 2(e)为预处理后图像效果，可以看出(e)的所关注区域与一般区域的对比度是最大的，猜测这样的预处理方式最大限度的保留了垂体部分的边缘信息，从而导致了效果较为显著。

由表 6 可知，在经过分割裁剪与超分辨率后，垂体微腺瘤分割效果提升显著，但在 PA 这一项，却小于原始图像方法 0.13 个百分点。经分析得，PA 的定义为：所有分类正确的像素占总像素的比例。而未经超分辨率的前两种方法，由于垂体微腺瘤在图像中的覆盖面积很小，这就导致即便垂体微腺瘤的像素完全分割不上（*i.e.*像素分类不正确），仍有大量的背景像素分割正确，那就导致 PA 计算公式中分子非常大而分母是固定值，因此 PA 偏高；而经过超分辨率后，垂体微腺瘤

的 mask 在图像中所占比例变大，一旦分割出现误差必然会导致 PA 计算公式中分子变小，从而降低 PA 计算数值。

综上所述，分割裁剪加超分辨率对于垂体微腺瘤的分割效果起着促进作用，因此用当保留此操作。

表 5 图像预处理消融实验 1，在垂体数据集上

| | DSC | mIoU | PA | mPA |
|---|---|---|---|---|
| *On the **Pituitary Dataset*** | | | | |
| HRNetv2 (HRNetv2_32) | | | | |
| + (a) | 92.24 | 85.60 | 99.95 | 90.14 |
| + (a) + (d) | 90.07 (-2.17) | 81.49 (-4.11) | 99.94 (-0.01) | 89.53 (-0.61) |
| + (a) + (e) | **93.00 (+0.76)** | **86.92 (+1.32)** | **99.96 (+0.01)** | **92.55 (+2.41)** |
| + (a) + (f) | 91.70 (-0.54) | 84.68 (-0.92) | 99.95 (±0.00) | 90.12 (-0.02) |

表 6 图像预处理消融实验 2，在垂体微腺瘤数据集上

| | DSC | mIoU | PA | mPA |
|---|---|---|---|---|
| *On the **PM Dataset*** | | | | |
| HRNetv2 (HRNetv2_18) | | | | |
| + MRI | 65.55 | 48.76 | 99.95 | 50.01 |
| + MRI + Crop | 66.65 (+1.10) | 49.98 (+1.22) | 99.91 (-0.04) | 50.00 (-0.01) |
| + MRI + Crop + Super | **71.94 (+6.39)** | **56.18 (+7.42)** | **99.82 (-0.13)** | **57.56 (+6.55)** |

### 5.3 垂体微腺瘤分割

在垂体微腺瘤分割方面，由于在 5.1 垂体分割实验 Mask R-CNN、DeepLabv3+和 PSPNet 表现一般，因此在垂体微腺瘤的分割中并未对上述三种模型进行实验。由表 7 可知，使用 backbone 为 VGG16 的 U-Net 模型和 backbone 为 HRNetv2_w18 的 HRNetv2 模型的效果要优于其他基准方法，而改进后的 HRNetv2_SE 和 HRNetv2_CAM 效果反而大幅下降。分析可得 HRNetv2_w18 与 VGG16 在模型参数量上要小于其他模型，因此这也直接的证明了当训练集数量很小时，采用参数更少、更简单的模型效果会更佳。

针对本文提出的 DECPM-CAD 方法，将使用 backbone 为 HRNetv2_w18 的 HRNetv2 模型进行垂体微腺瘤的分割与定性。

### 5.4 垂体微腺瘤诊断

在 5.3 节中经验证得到，当 backbone 为 HRNetv2_w18 的 HRNetv2 模型的效果最佳，因此，在本文提出的 DECPM-CAD 方法中，针对垂体微腺瘤的定性问题，主要使用 backbone 为 HRNetv2_w18 的 HRNetv2 模型。如图 6 所示，目前

DECPM-CAD 对于未知动态增强 MR 序列是否存在垂体微腺瘤的判断准确率达到了 77%。

表 7 垂体微腺瘤数据集上的分割结果

| | backbone | DSC | mIoU | PA | mPA |
|---|---|---|---|---|---|
| Mask R-CNN | ResNet50 | - | - | - | - |
| U²-Net | RSU | 67.79 | 51.28 | 99.79 | 49.96 |
| DeepLabv3+ | mobileNet | - | - | - | - |
| PSPNet | mobileNet | - | - | - | - |
| PSPNet | ResNet50 | 60.78 | 43.66 | 99.63 | 45.72 |
| U-Net | Vgg16 | 71.81 | 56.02 | 99.82 | **58.14** |
| U-Net | ResNet50 | 71.75 | 55.95 | 99.82 | 56.88 |
| HRNetv2 | HRNetv2_w18 | **71.94** | **56.18** | **99.82** | 57.56 |
| HRNetv2 | HRNetv2_w32 | 68.62 | 52.23 | 99.75 | 52.98 |
| HRNetv2 | HRNetv2_w48 | 58.49 | 41.33 | 99.59 | 42.10 |
| HRNetv2_SE | HRNetv2_w32 | 67.57 | 51.02 | 99.75 | 50.01 |
| HRNetv2_CAM | HRNetv2_w32 | 59.84 | 42.69 | 99.63 | 49.79 |

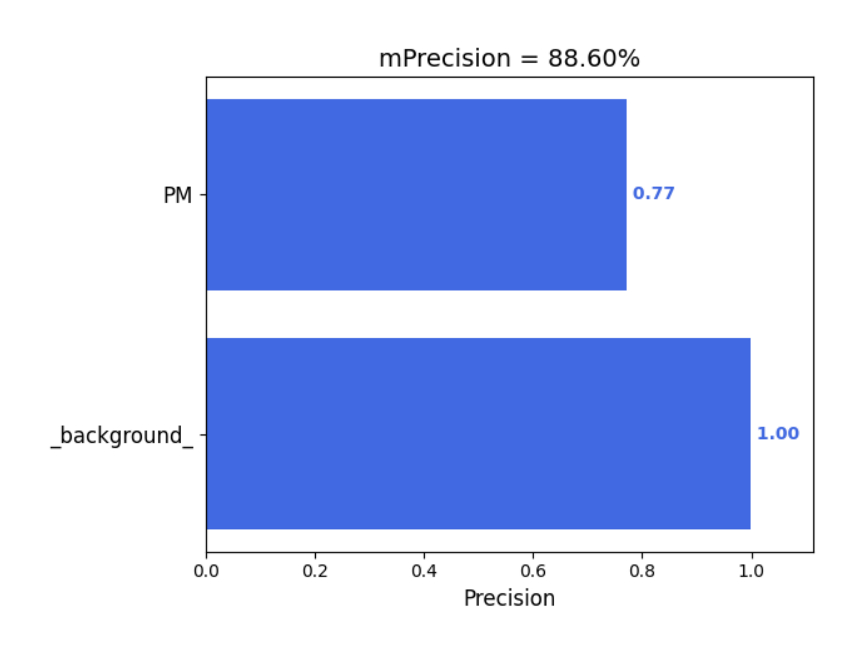



图 6 DECPM-CAD 关于垂体微腺瘤定性的准确率

## 6. 讨论

除此之外，针对本课题还可以在如下方面进行进一步改进：

(1) 探寻有效的数据增强方式，对垂体微腺瘤数据集，尤其是经过超分辨率的垂体微腺瘤数据集进行数据增强，进一步扩增数据集来提高模型的精度，同时也可以提升模型对于垂体微腺瘤诊断这一具体下游问题的泛化能力。

(2) 由于垂体微腺瘤的特点：既需要较为明显的语义信息，又需要精准的位

置信息，这就要模型能保持高分辨率特征图的同时还要进行足够的卷积、池化、BN 等操作来获得低分辨率的特征图，这也是本文选择高分辨率表征学习 HRNet 的原因，但这对于现有模型而言太过困难，很难对垂体微腺瘤如此细小目标实现高精度分割。

在初次调研 HRNet 时，HRNetv1 主要应用领域是人体特征点检测，HRNetv2 与 HRNetv2p 是在 HRNetv1 的基础上提出的，分别用于语义分割和目标检测。而由于垂体微腺瘤在图像中过小，完全可以将其看作是一个脑部特征点。除此之外，在人体特征点检测的过程中，很多图像数据都是基于视频的连续帧，而这也正好契合垂体微腺瘤的动态增强扫描序列，那么原本的分割问题就会变成一个脑部特征点检测问题，或者说是一个逼近问题：检测到特征点、规定以特征点为圆心固定像素值为半径初始化预测的 mask、将预测的 mask 与 ground truth 计算两者之间的 Hausdroff distance 并作为 loss 函数[27]，这样就能让初始化的 mask 逐步逼近 ground truth，最终达到分割的效果。

## 7. 结论

本文主要完成以下工作：

(1) 对垂体微腺瘤、动态增强扫描序列等医学领域知识进行深入的调研与学习，详细阐述并分析了动态增强序列的特点，并基于此提出了一系列关于动态增强序列有效的图像预处理方法，保留了动态增强序列中强度变化的信息，为后续的垂体分割、垂体微腺瘤的分割与诊断的准确性提供了有力保障。

(2) 在垂体分割部分中，本文使用了 1 种实例分割模型、5 种语义分割模型及其对应的 7 种不同 backbone 共 10 种基准方法作为对照试验。同时针对 HRNetv2 模型本文还提出了基于两种注意力机制的改进方法，并在测试集上取得了较好的结果。

(3) 在垂体微腺瘤分割部分中，本文考虑到垂体微腺瘤在图像中占据的像素可能过少，模糊的语义信息与位置信息会导致分割结果不理想，因此使用预训练好的 TecoGAN 图像超分辨率模型对垂体及附近区域进行裁剪与超分辨率，并在消融实验中进一步验证了超分辨率的有效性。

(4) 综上所述，本文整理提出了一种基于动态增强扫描序列的计算机辅助诊断垂体微腺瘤系统（DCEPM-CAD），面对未知动态增强序列，DECPM-CAD 可以从数据预处理至分割、分类来诊断该动态增强序列是否含有垂体微腺瘤，实现

了端到端的计算机辅助临床医学诊断。

## 参考文献

[1] SAEGER W.New aspects of tumor pathology of the pituitary[J].Pathologe, 2015, 36 (3) :293-300.

[2] Di Ieva A,Rotondo F,Syro L V,et al.Aggressive pituitary adenomas--diagnosis and emerging treatments[J].Nat Rev Endocrinol,2014,10(7):423-435.

[3] Melmed S. Pathogenesis of pituitary tumors[J]. Endocrinol Metab Clin N Am, 1999, 28(1):1-12. DOI:10.1016/S0889-8529(05)70055-4.

[4] Baik J S, Lee M H, Ahn K J, et al. Characteristic location and growth patterns of functioning pituitary adenomas: correlation with histological distribution of hormone-secreting cells in the pituitary gland[J]. Clinical Imaging, 2015, 39(5): 770-774.

[5] 高静. MRI 影像组学对垂体微腺瘤及其亚型诊断价值的研究[D].皖南医学院,2021.DOI:10.27374/d.cnki.gwnyy.2021.000238.

[6] Bashari W A, Senanayake R, Fernández-Pombo A, et al. Modern imaging of pituitary adenomas[J]. Best practice & research Clinical endocrinology & metabolism, 2019, 33(2): 101278.

[7] Tanzer M, Yook SH, Yang G, Rueckert D, Nielles-Vallespin S. Review of data types and model dimensionality for cardiac DTI SMS-related artefact removal. arXiv; 2022. doi:10.48550/arXiv.2209.09522

[8] Molitch ME. Diagnosis and Treatment of Pituitary Adenomas: A Review. JAMA. 2017;317:516–24. doi:10.1001/jama.2016.19699

[9] Doi, Kunio. "Computer-aided diagnosis in medical imaging: historical review, current status and future potential." Computerized medical imaging and graphics 31.4-5 (2007): 198-211.

[10]RSNA-ASNR-MICCAI Brain Tumor Segmentation (BraTS) Challenge 2021. [OL], http://braintumorsegmentation.org/. 2021.

[11] Collection of medical image data sets. [OL], https://aistudio.baidu.com/aistudio/projectdetail/462184, 2021

[12] Lee DH, Park JE, Nam YK, et al. Deep learning-based thin-section MRI reconstruction improves tumour detection and delineation in pre- and post-treatment pituitary adenoma. Sci Rep. 2021;11:21302. doi:10.1038/s41598-021-00558-2

[13] Uetani H, Nakaura T, Kitajima M, et al. Hybrid deep-learning-based denoising method for compressed sensing in pituitary MRI: comparison with the conventional wavelet-based denoising method. Eur Radiol. 2022;32:4527–36. doi:10.1007/s00330-022-08552-6

[14] Shu X, Zhou Y, Li F, et al. Three-Dimensional Semantic Segmentation of Pituitary Adenomas Based on the Deep Learning Framework-nnU-Net: A Clinical Perspective. Micromachines. 2021;12:1473. doi:10.3390/mi12121473

[15] Li H, Zhao Q, Zhang Y, et al. Image-driven classification of functioning and nonfunctioning pituitary adenoma by deep convolutional neural networks. Computational and Structural Biotechnology Journal. 2021;19:3077–86. doi:10.1016/j.csbj.2021.05.023

[16] Li Q, Zhu Y, Chen M, et al. Automatic detection of pituitary microadenoma from magnetic resonance imaging using deep learning algorithms. :37.

[17] Acosta JN, Falcone GJ, Rajpurkar P, Topol EJ. Multimodal biomedical AI. Nat Med. 2022;28:1773–84. doi:10.1038/s41591-022-01981-2

[18] Fan Y, Liu Z, Hou B, et al. Development and validation of an MRI-based radiomic signature for the preoperative prediction of treatment response in patients with invasive functional pituitary adenoma. European Journal of Radiology. 2019;121:108647. doi:10.1016/j.ejrad.2019.108647

[19] Rand T, Lippitz P, Kink E, et al. Evaluation of pituitary microadenomas with dynamic MR imaging[J]. European journal of radiology, 2002, 41(2): 131-135.

[20]Bahdanau D, Cho K, Bengio Y. Neural machine translation by jointly learning to align and translate[J]. arXiv preprint arXiv:1409.0473, 2014.

[21] Hu J, Shen L, Sun G. Squeeze-and-excitation networks[C]//Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition. 2018: 7132-7141.

[22] Woo S, Park J, Lee J Y, et al. Cbam: Convolutional block attention module[C]//Proceedings of the European conference on computer vision (ECCV). 2018: 3-19.

[23]Loshchilov I, Hutter F. Sgdr: Stochastic gradient descent with warm restarts[J]. arXiv preprint arXiv:1608.03983, 2016.

[24] He K, Gkioxari G, Dollár P, et al. Mask r-cnn[C]//Proceedings of the IEEE international conference on computer vision. 2017: 2961-2969.

[25] Chen L C, Zhu Y, Papandreou G, et al. Encoder-decoder with atrous separable convolution for semantic image segmentation[C]//Proceedings of the European conference on computer vision (ECCV). 2018: 801-818.

[26] Zhao H, Shi J, Qi X, et al. Pyramid scene parsing network[C]//Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition. 2017: 2881-2890.

[27] Ribera J, Guera D, Chen Y, et al. Locating objects without bounding boxes[C]//Proceedings of the IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. 2019: 6479-6489.